



FIG. 1

```

H.s._MMSC1      0  CTCACCTTCGCGCCAGGTGAGGCAGGCGCCGACACCCGAGCCCGCCGACCCGGGCTCCCACC
M.m._MMSC1      0  ACTTCCGCC-AGGTGAGG-AGG-CCG- TCCGTGCCCGCAGCCCCGGGGCTCCCACC
      |-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      1      11      21      31      41      51

H.s._MMSC1      60  TGCTCCTCCAGCGCACCCAGGTGTCTTTAAGAGTGATTGAAGAGATAATTCAAAATGCCT
H.s._MMSC1.pep      0  M--P--
M.m._MMSC1      52  CCGCCGTGCGCCCGATCAGAC--TTTTTGGAAAGTGATTGAAAAGAATATCCCAAAATGCCT
M.m._MMSC1.pep      0  M--P--
      |-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      61      71      81      91     101     111

H.s._MMSC1      120  GAAATCCTGCTACAGATAAACTGCAGGTGCTGCAGGTACTTGATCGCCTGAAAATGAAA
H.s._MMSC1.pep      2  E--N--P--A--T--D--K--L--Q--V--L--Q--V--L--D--R--L--K--M--K--
M.m._MMSC1      110  GAAACCCCTGCTGCAGAGAAGATGCAGGTCTCTGCAGGTCTCGATCGCCTTCGAGGGAAG
M.m._MMSC1.pep      2  E--N--P--A--A--E--K--M--Q--V--L--Q--V--L--D--R--L--R--G--K--
      |-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      121     131     141     151     161     171

H.s._MMSC1      180  TTGCAGGAGAAAGGTGACACGTCGCAGAAATGAGAAAGTTATCTATGTTTATGAGACACTA
H.s._MMSC1.pep      22  L--Q--E--K--G--D--T--S--Q--N--E--K--L--S--M--F--Y--E--T--L--
M.m._MMSC1      170  CTGCAGGAGAAAGGAGACACGACGACGAGAACGAGAAAGCTGTCTGCTACGAGACGCTG
M.m._MMSC1.pep      22  L--Q--E--K--G--D--T--T--Q--N--E--K--L--S--A--F--Y--E--T--L--
      |-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      181     191     201     211     221     231

H.s._MMSC1      240  AAGAGTCCTCTCTTCAACCAGATACTCACACTTCAGCAGTCCATCAAGCAACTGAAGGGT
H.s._MMSC1.pep      42  K--S--P--L--F--N--Q--I--L--T--L--Q--Q--S--I--K--Q--L--K--G
M.m._MMSC1      230  AAGAGCCCTCTCTTCAACCAGATCTTACACTGCAGCAGTCCATCAAGCAGCTGAAGGA
M.m._MMSC1.pep      42  K--S--P--L--F--N--Q--I--L--T--L--Q--Q--S--I--K--Q--L--K--G
      |-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      241     251     261     271     281     291

```

FIG. 2